

--	--	--

1. Nazwa przedmiotu: WYBRANE SYSTEMY PROGRAMOWANIA		2. Kod przedmiotu:		
3. Karta przedmiotu ważna od roku akademickiego: 2012				
4. Forma kształcenia: studia drugiego stopnia				
5. Forma studiów: STUDIA stacjonarne				
6. Kierunek studiów: BIOTECHNOLOGIA; WYDZIAŁ AEII				
7. Profil studiów: ogólnoakademicki				
8. Specjalność: BIOINFORMATYKA				
9. Semestr: 1				
10. Jednostka prowadząca przedmiot: Instytut Automatyki, RAu1				
11. Prowadzący przedmiot: dr inż. Dariusz Choiński				
12. Przynależność do grupy przedmiotów: przedmioty dla specjalności				
13. Status przedmiotu: obowiązkowy				
14. Język prowadzenia zajęć: polski				
15. Przedmioty wprowadzające oraz wymagania wstępne: Wymagana jest wiedza i umiejętności z zakresu informatyki na poziomie inżynierskim kierunku biotechnologia lub pokrewnym.				
16. Cel przedmiotu: Celem wykładu jest przedstawienie wybranych systemów oprogramowania mających zastosowanie w zaawansowanej analizie danych stosowanej w biotechnologii. Cele laboratorium jest, aby po tym kursie student umiał dobrać odpowiednie narzędzie programowe oraz potrafił samodzielnie napisać program dla analizy danych pochodzących z mikromacierzy DNA.				
17. Efekty kształcenia:¹				
Nr	Opis efektu kształcenia	Metoda sprawdzenia efektu kształcenia	Forma prowadzenia zajęć	Odniesienie do efektów dla kierunku studiów
W1	zna zadania stawiane systemom programowania w bioinformatyce	SP	WT, WM	K_W01 K_W04 K_W018 K_W17
W2	zna pojęcia z zakresu ochrony praw autorskich i potrafi korzystać z oprogramowania wykorzystując wiedzę uzyskaną w ramach przedmiotu oraz korzystając z zasobów Internetu	SP	WT, WM	K_W016
U1	potrafi przetworzyć biologiczne dane mikromacierzowe, jak również dokonać pełnej analizy zadanego problemu biologicznego.	PS	L	K_U08 K_U10
U2	potrafi napisać program i stworzyć interfejs graficzny oraz potrafi przedstawić wynik analizy w postaci graficznej wykorzystując środowisko R	PS	L	K_U07
U3	potrafi dokonać klasteryzacji i prezentacji danych	PS	L	K_U12
U4	potrafi formułować i testować hipotezy związane z analizowanymi problemami natury biologicznej	PS	L	K_U08 K_U21
K1	potrafi zaprezentować i zaproponowane rozwiązanie	OS	L	K_K04 K_K07
K2	ma świadomość dynamicznych zmian w metodach i algorytmach analizy danych biologicznych	OS	L	K_K01

¹ należy wskazać ok. 5 – 8 efektów kształcenia

18. Formy zajęć dydaktycznych i ich wymiar (liczba godzin)

W. 30 L.: 15

19. Treści kształcenia:

Wykład

Oprogramowanie zorientowane obiektowo dla zastosowań w bioinformatyce. Tworzenie funkcji generycznych, polimorfizm oraz dziedziczenie. Normalizacja, sumaryzacja, klasteryzacja danych uzyskanych z mikromacierzy. Programowanie w języku R oraz wykorzystanie bibliotek środowiska Bioconductor. Wykorzystanie Systems Biology Markup Language dla modelowania systemów biologicznych.

W ramach przedmiotu omawiane będą zasady oprogramowania zorientowanego obiektowo, klasy, ukrywanie implementacji, hermetyzacja, polimorfizm, dziedziczenie. Omówione zostaną przykłady dla języka C++ i Matlab. Przypomniane zostaną podstawy środowiska R oraz listy, tworzenie funkcji polimorficznych, klas, środowiska oraz domykanie.

Dla opracowywania danych uzyskanych z mikromacierzy wykonanych w technologii AffyMetrix zostaną omówione biblioteki dostępne w ramach środowiska R, a w szczególności: klasy `marrayRaw`, `AffyBatch`, `exprSet` oraz metody korekcji tła, normalizacji, korekcji i sumaryzacji, metody MAS 5.0, RMA, GCRMA, `vsn`, normalizacja kwantylowa, sumaryzacja `expresso`, personalizowanie metod korekcji oraz klasteryzacja.

Omówione zostaną także biblioteki dla kontroli jakości danych, wykorzystanie ontologii i wyodrębniania danych. Przedstawione zostaną funkcje generyczne dla wizualizacji danych, zmienności danych oraz dla prezentacji danych sklasteryzowanych, a także platforma Eclipse i jej wykorzystanie dla wtyczek umożliwiających korzystanie ze środowiska R.

Zostanie przedstawione oprogramowanie wykorzystywane dla obróbki obrazów uzyskanych z metody `Fluorescent in situ hybridization` oraz zastosowanie języka SBML - Systems Biology Markup Language dla modelowania systemów biologicznych, graficzny zapis modeli, translacja modeli do innych środowisk.

Program przedmiotu zamykają zasady przygotowywania receptur dla oprogramowania sterowania procesów wsadowych w/g normy PN-EN 61512.

Wykład prowadzony w całości przed zajęciami laboratoryjnymi, dla zapoznania słuchaczy z całością materiału. Zajęcia laboratoryjne w blokach czterogodzinnych, aby umożliwić realizację bardziej złożonych programów opartych o rzeczywiste dane. Oprogramowanie jest realizowane w środowisku dostępnym dla studentów także dla ich komputerów domowych. W oparciu o wykład oraz udostępniane na platformie zdalnej edukacji materiały, zajęcia laboratoryjne rozpoczynają się krótką kartkówką sprawdzającą umiejętności niezbędne dla realizacji oprogramowania w trakcie poszczególnych zajęć laboratoryjnych. Zajęcia laboratoryjne kończą się samodzielnie wykonanym przez studentów złożonym zadaniem programistycznym.

Laboratorium:

Na początku zajęć laboratoryjnych przeprowadzana jest kartkówka mająca na celu sprawdzenie przygotowania studenta do zajęć. Obowiązuje zakres tematyczny z wykładów oraz materiałów dostępnych na Platformie Zdalnej Edukacji. Z kartkówki można uzyskać maksymalnie 2 punkty. Łącznie w semestrze są 4 kartkówki. Uwzględniając stopień przygotowania teoretycznego oraz aktywność w realizacji poleceń i zadań wydanych w trakcie ćwiczenia, prowadzący wystawia każdemu studentowi dodatkową ocenę końcową z danego ćwiczenia (ocena z zakresu <0,2>). Ocena końcowa z przedmiotu jest związana z sumaryczną ilością zdobytych punktów.

W celu umożliwienia zrealizowania bardziej złożonych zadań programistycznych, laboratorium połączone jest w dłuższe (3 h) bloki.

Realizowane są nastp. tematy:

1. Podstawy programowania w środowisku R. Środowisko graficzne Eclipse
2. Analiza danych wielkoskalowych w środowisku R na przykładzie zbioru danych mikromacierzowych
3. Obiekt `ExpressionSet` i metody analizy danych mikromacierzowych
4. Tworzenie interfejsu graficznego i wykorzystanie trybu wsadowego w środowisku R

20. Egzamin: nie.

21. Literatura podstawowa:

1. Przemysław Biecek, Przewodnik po pakiecie R, Oficyna Wydawnicza GiS, Wrocław 2008
2. R. Gentleman, V. Carey, W. Huber, R. Irizarry, S. Dudoit; Bioinformatics and Computational Biology Solutions Using R and Bioconductor, Springer 2005.

22. Literatura uzupełniająca:

www.bioconductor.org (materiały w języku angielskim i polskim)

23. Nakład pracy studenta potrzebny do osiągnięcia efektów kształcenia

Lp.	Forma zajęć	Liczba godzin kontaktowych / pracy studenta
1	Wykład	30/30
2	Ćwiczenia	0/0
3	Laboratorium	15/15
4	Projekt	0/0
5	Seminarium	0/0
6	Inne	0/0
	Suma godzin	45/45

24. Suma wszystkich godzin: 90**25. Liczba punktów ECTS:² 3****26. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach z bezpośrednim udziałem nauczyciela akademickiego: 1****27. Liczba punktów ECTS uzyskanych na zajęciach o charakterze praktycznym (laboratoria, projekty): 1 (2)****26. Uwagi:**

Zatwierdzono:

.....
(data i podpis prowadzącego)

.....
(data i podpis dyrektora instytutu/kierownika katedry/
Dyrektora Kolegium Języków Obcych/kierownika lub
dyrektora jednostki międzywydziałowej)

² 1 punkt ECTS – 30 godzin.